

Wed May 7 14:14:35 2003

us-10-027-000-2.rapb

Page 1

GenCore version 5.1.4-p5-4578  
Copyright (c) 1993 - 2003 Compugen Ltd.

OM protein - protein search, using sw model

Run on: April 26, 2003, 13:02:01 ; Search time 23 Seconds  
(without alignments)  
2902.092 Million cell updates/sec

Title: US-10-027-000-2

Perfect score: 4391  
Sequence: 1 MADIDVEALIKRLTLAEKVD.....DGVLRGKFTVGETYMWSCV 833

Scoring table: BLOSUM62  
Gapop 10.0 , Gapext 0.5

Searched: 301932 seqs, 80129803 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 301932

Minimum DB seq length: 0

Maximum DB seq length: 200000000

Post-processing: Minimum Match 0%

Maximum Match 100%  
Listing first 45 summaries

Database: Published Applications AA\*

1: /cgn2\_6/ptodata/1/pubppa/US08\_NEW\_PUB.pep.\*  
2: /cgn2\_6/ptodata/1/pubppa/US06\_NEW\_PUB.pep.\*  
3: /cgn2\_6/ptodata/1/pubppa/US06\_PUBCOMB.pep.\*  
4: /cgn2\_6/ptodata/1/pubppa/US07\_NEW\_PUB.pep.\*  
5: /cgn2\_6/ptodata/1/pubppa/US07\_PUBCOMB.pep.\*  
6: /cgn2\_6/ptodata/1/pubppa/US07\_PUBCOMB.pep.\*  
7: /cgn2\_6/ptodata/1/pubppa/US08\_PUBCOMB.pep.\*  
8: /cgn2\_6/ptodata/1/pubppa/US08\_PUBCOMB.pep.\*  
9: /cgn2\_6/ptodata/1/pubppa/US09\_PUBCOMB.pep.\*  
10: /cgn2\_6/ptodata/1/pubppa/US10\_NEW\_PUB.pep.\*  
11: /cgn2\_6/ptodata/1/pubppa/US10\_PUBCOMB.pep.\*  
12: /cgn2\_6/ptodata/1/pubppa/US60\_NEW\_PUB.pep.\*  
13: /cgn2\_6/ptodata/1/pubppa/US60\_PUBCOMB.pep.\*  
14: /cgn2\_6/ptodata/1/pubppa/US60\_PUBCOMB.pep.\*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a  
score greater than or equal to the score of the result being printed,  
and is derived by analysis of the total score distribution.

#### SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
1	953	21.7	721	9	US-10-121-032-19
2	951.5	21.7	3782	9	US-09-860-846-4
3	951.5	21.7	3782	9	US-09-988-384B-4
4	951.5	21.7	3782	10	US-09-861-289-4
5	944.5	21.5	809	9	US-09-860-846-24
6	944.5	21.5	809	9	US-09-988-384B-24
7	944.5	21.5	809	10	US-09-861-289-24
8	165	3.8	171	10	US-09-734-569-34
9	151.5	3.5	548	9	US-09-738-626-3855
10	128	2.9	1434	9	US-10-080-505-9
11	126.5	2.8	395	9	US-09-738-626-6644
12	121.5	2.8	2609	9	US-10-043-487-383
13	121.5	2.8	2353	10	US-09-797-862-33
14	118.5	2.7	599	9	US-09-869-877-6
15	118.5	2.7	599	10	US-09-732-350-6
16	115	2.6	1938	9	US-10-014-436-2
17	113.5	2.6	833	9	US-10-014-436-3
18	113.5	2.6	1436	9	US-10-080-505-13
19	113	2.6	1300	10	US-09-815-242-4903

20	113	2.6	1300	10	US-09-815-242-10906	Sequence 10906, A
21	112	2.6	962	10	US-09-205-658-310	Sequence 310, App
22	111.5	2.5	1394	9	US-09-839-996-2	Sequence 2, Appl1
23	111.5	2.5	1394	9	US-10-080-505-2	Sequence 2, Appl1
24	111.5	2.5	1395	9	US-10-080-505-7	Sequence 7, Appl1
25	110	2.5	1981	9	US-09-928-457-38	Sequence 38, Appl1
26	107.5	2.4	521	10	US-09-894-993-4	Sequence 19, Appl1
27	106.5	2.4	553	9	US-09-881-353-19	Sequence 17, Appl1
28	106	2.4	639	9	US-10-267-311-17	Sequence 7, Appl1
29	106	2.4	105	10	US-10-192-584-7	Sequence 11997, A
30	105	2.4	1357	10	US-09-815-242-11997	Sequence 5, Appl1
31	104.5	2.4	943	10	US-09-968-362-5	Sequence 6, Appl1
32	103.5	2.4	540	10	US-09-894-993-6	Sequence 29, Appl1
33	103	2.3	648	9	US-10-267-311-29	Sequence 45, Appl1
34	103	2.3	1183	9	US-09-870-759-45	Sequence 10438, A
35	103	2.3	1342	10	US-09-815-242-110438	Sequence 2, Appl1
36	102	2.3	956	9	US-09-262-126C-2	Sequence 10, Appl1
37	102	2.3	956	9	US-10-245-803-2	Sequence 3548, Ap
38	101	2.3	690	9	US-10-068-059-10	Sequence 12048, A
39	100.5	2.3	474	9	US-09-738-626-3548	Sequence 2, Appl1
40	100	2.3	645	10	US-09-815-242-12048	Sequence 8, Appl1
41	100	2.3	1620	10	US-09-827-949-2	Sequence 5179, Ap
42	99.5	2.3	709	9	US-10-068-059-8	Sequence 38, Appl1
43	99.5	2.3	1399	10	US-09-815-242-5179	Sequence 2, Appl1
44	99.5	2.3	1812	10	US-09-775-938A-38	
45	99	2.3	915	10	US-09-833-439A-2	

#### ALIGNMENTS

RESULT 1  
US-10-121-032-19  
Sequence 19, Application US/10121032  
Patent No. US2002015550A1  
GENERAL INFORMATION:  
APPLICANT: Bylina, Edward J.  
TITLE OF INVENTION: GLYCOSIDASE ENZYMES  
NUMBER OF SEQUENCES: 72  
CORRESPONDENCE ADDRESS:  
ADDRESSEE: Gray Cary Ware & Freidenrich LLP  
STREET: 4365 Executive Drive, Suite 1600  
CITY: San Diego  
STATE: CA  
COUNTRY: USA  
ZIP: 92121  
COMPUTER READABLE FORM:  
MEDIUM TYPE: Diskette  
COMPUTER: IBM Compatible  
OPERATING SYSTEM: Windows95  
SOFTWARE: FASTSEQ for Windows Version 2.0  
CURRENT APPLICATION DATA:  
APPLICATION NUMBER: US/10/121.032  
FILING DATE: 09-APR-2002  
CLASSIFICATION: <Unknown>  
PRIOR APPLICATION DATA:  
APPLICATION NUMBER: US/09/134,078  
FILING DATE: 13-AUG-1998  
APPLICATION NUMBER: 08/949,026  
FILING DATE: 10-OCT-1997  
APPLICATION NUMBER: 60/056,916  
FILING DATE: 06-DEC-1996  
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
NAME: Hallie, Lisa A.  
REGISTRATION NUMBER: 38,347  
REFERENCE/DOCKET NUMBER: 09010/024002  
TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
TELEPHONE: 858/677-1456  
TELEFAX: 858/677-1465  
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 19:  
SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
LENGTH: 721 amino acids  
TYPE: amino acid

TOPOLOGY: linear  
MOLECULE TYPE: protein  
FRAGMENT TYPE: internal  
SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 19;  
US-10-121-032-19

Query Match  
Best Local Similarity 21.7%; Score 953; DB 9; Length 721;  
Matches 261; Conservative 127; Mismatches 286; Indels 186; Gaps 25;

```

QY 6 VEAIIKLTLAEKVDLLAGIDF-----HTKALPKHGVPISLRTDGGNGV 50
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 4 IDELLSQLTTEKVLIVGVGLPGLFGRPHSRVAGAGETHPRLGLPAVLADGAPG 63
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 51 R-----GTFKFGVPAACPPCGTSLGSTEPTNQLLEBAGKMGKEAIKSAHVILPTINQ 106
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 64 RANPTRENDENTYTTAPVETIMASTVNRDLLEEVKAKMGEEVREXGVVLLAPANNH 123
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 107 RSPILGGRFESIGEDPPLAGLAALIRIGISTGVQATIKHFLCNDQEDRRAMVQSLVTE 166
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 124 RNPILGRNFEIYSEDVPLSGENASAFVKVQSGVAGACIKHFNANNQETRMVVDITVSE 183
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 167 RALREIYALPQIAVRDSQCAFMTAYNGINGVSCSENPKYLDGMLRKEMGMDGLIMSDW 226
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 184 RALREIYALKGEIAYKARPMVTMSAVKMLNGKCSQNMELKLVLEENGFGGVASDW 243
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 227 YGTSTTAVVAGLDLEHPP-----RFRGETLKFVNSNGKPTIIVIDORAREVLOF 279
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 244 YAGDVPVQLKAGNDMIMPKAYONTERRDEIEIMEALKEGLSEEVDECVRLTK 302
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 280 VKKCAASGVTEGPE---TIVNNTPET---AALLRKVNGIYVLKNNVNLDSKKKT 333
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 303 -----VLVNPSPFKGRYSNRPDLSENAEVAEPAGACVLLER-NGVLPEDENTHY 353
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 334 LIVGNNAQALYHGGGSAALRAYAATPFDGLSKOLETPPSYTVGAYTTPPIIGBOCLT 393
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 354 AVFGQIETIKGGTSGSDTHPRYTISILEGIKE----- 387
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 394 PDGAPGMRFVNEPFGTPNRQIHDELFFTKDMLVDYHHPKADTWYADMEGTYADE 453
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 388 -----RNMFDEELASTYEETIKK-----MRETEETKPR-TDSW----- 420
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 454 DCTEELGLVCGTAKAYVDOLVVDNATKQVPDGAFFGSATREETGRINLVGNTRYKFKI 513
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 421 -----GTVI-----KPKLPENFLSEKRIKPKKNDVAVVY-----ISRISGEGRK- 463
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 514 EFGSAPYTLTKDGTIVYHGSLSLVGCKVDDDAEIEKSVALLAKE-HDQVITICAGLINADW 572
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 464 -----PVKGDFTYS-----DDELELIKTV--SKEFHDO----- 489
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 573 ETGEGADRASKMLPGVLDOLLIADVAANPNTVVVMOGTGREEM-PMUDATPAVIAQMYGDN 631
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 490 -----GKKVYVILNIGSIEVAWSMDYDGLILVWQAGQ 523
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 632 ETGNSIADVFGDYNBSGKLSLSPKRLDNPALF--NFRTEAGRTLYGEDVYGYRY 688
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 524 EMGIYADVAVYVGRKINPSGKLPFTFFPKDYSDVPSWTFPGSPKDNQPNQVYEEDIIYGYRY 583
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 689 EFADKDVNFPFGHGLSTTPFAENLSVSHKDKLSLSVKTGSPGAQVLAQLVYKPLQ 748
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 584 DTGCVPEAYIEFGYLSYTFEKDKLTAIDGETLRYSTYITNTGGRAKREVSOVYIK-AP 642
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 749 AAKINRPEKLGKFAVE--LQPGETKAVTIEQEKVYAAFPDEEDQMCVEKDEGVYVS 807
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 643 KGIKIDRFQELKAFHKTILNPGESEISELILPLNDIASFDGKE---WVESGETEYAVG 699
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 808 DSSAADGVALRGKTV-GE 826
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 700 ASSR---DIRLIDIFLVEGE 716
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

```

RESULT 2  
US-09-860-846-4

Sequence 4, Application US/09860846  
Patent No. US20020164742A1  
GENERAL INFORMATION:  
APPLICANT: Sherman, D.H.  
APPLICANT: Liu, H.  
APPLICANT: Xue, Y.  
APPLICANT: Zhao, L.  
TITLE OF INVENTION: DNA encoding methymycin and pikromycin  
FILE REFERENCE: 600,438US1  
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/860,846  
PRIOR FILING DATE: 2001-05-18  
PRIOR APPLICATION NUMBER: 09/105,537  
NUMBER OF SEQ ID NOS: 43  
SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 3.0  
SEQ ID NO 4  
LENGTH: 3782  
TYPE: PRT  
ORGANISM: Streptomyces venezuelae  
US-09-860-846-4

Query Match  
Best Local Similarity 31.4%; Score 951.5; DB 9; Length 3782;  
Matches 275; Conservative 123; Mismatches 340; Indels 137; Gaps 25;

```

QY 9 ILKLTLEAEKVDLLAGIDF-----HTKALPKHGVPISLRTDGGNGVSTKFGNG 58
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 1121 LVAQMTDEKISFY-----HNAIDPDRONVYLRGVPRLGPELRNADGPRGR- 1172
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 59 VPAACFPCCGSLGSTEPTNQLLEBAGKMGKEAIKSAHVILPTINMOSPILGRFESI 118
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 1173 QTAALPAPVALASTPFDVTADSYGKVGGRDGRALNDQVILGPMNNIRVPHGRNRYET 1232
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 119 GEDEFLAGLAALIRIGISTGVQATIKHFLCNDQEDRRAMVQSLYTEALREIYALPQ 178
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 1233 SEDLVSRRAVAQIKIQAGLMTTAKHPAANNQENRNVANVDEQTLREIEPARE 1292
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 179 IAVRDSQGA--EMTAYNGINGVSCSENPKYLDGMLRKEMGMDGLIMSYSTTEAV 236
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 1293 AS---SKAGAASFCAVCAVNGKRCSCGNDELNNVLRTOVGQGVWMSDLAT-PTDAI 1348
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 237 VAGLDLE-----RGRP-RFRGETLKFVNSNGK-PIIVIDORAREVLOFVKK 282
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 1349 TKGIDQMGVLEPDVNPKEGSPPAKFFGEALKTAVLNGTVEAAVTRSAERIVGOMEKF 1408
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 283 CAASGVTEGPEPTVNTPETALALRRKGNEGIVLLKNNVNLPTS--KKKTLIVGPN 340
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 1409 GILLATPAPRPE--RDKAGAQAVSKVAENGAIVLLRNGQALPLAGDAGSIAVIGFTA 1465
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 341 KQATYHGGGSAALRAYAATPFDGLSKOLETPPSYTVGAYTTPPIIGBOCLTPDGAPM 400
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 1466 VDRKVTGLGSAAHVPPDSPAAPLDTIKAR-----ACAGATVYETGEL:RGQIPAGN 1517
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 401 RMRVFNPEPCTPRQIHDELFFTKDMLVDYHHPKADTWYADMEGTYADECTYELG 460
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 1518 LSAFNFQ-----HOLE--PGKAGALF--DGLTYPAGEERIA 1552
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 461 LVVCGTAKAYVDOLVVDNATKQVPDGAFFGSATREETGRINLVGNTRYKRIEBSAPT 520
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 1553 VRATG---GVAIVQL-----GSHITIEAGVYKVS--SPILKLTGK-THKI----- 1592
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 521 YTLKGTIYVGHGSLRVGCKVYIDQAEIEKSVALLAKHDVYIICAGLINADMETEGADRA 580
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 1593 -TISGEFAMSATPLSELGAVTTPAADATIAKAVESARRARPAVVA--YDQJEGVDRP 1648
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 581 SMKLPVLDOLLIADVAANPNTVVVMOGTGREEMWLDATPAVIAQMYGDNSTADY 640
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 1649 NLSLPGTQKILSAVADANPNTIIVLNTGSSVLMFKSTRAVDMMYPCGAGAEATAAL 1708
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 641 VFGDYNBSGKLSLSPKRLDNPALFNRTEAG-----RTLYGEDVYGYRYEEF 690
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 1709 LVGDVNPSSKLTQSF-----PAAENQHAVAQDPTSPGVNDNOGTREGIHVGRKFDK 1761
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

```





PRIOR FILING DATE: 1999-06-25  
 PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/105,537  
 PRIOR FILING DATE: 1998-06-26  
 NUMBER OF SEQ ID NOS: 53  
 SEQ ID NO 24  
 LENGTH: 809  
 TYPE: PR1  
 ORGANISM: Streptomyces venezuelae  
 US-09-988-384B-24

Query Match 21.5%; Score 944.5; DB 9; Length 809;  
 Best Local Similarity 32.2%; Pred. No. 2,6e-68;  
 Matches 275; Conservative 112; Mismatches 325; Indels 143; Gaps 26;

9 ILKLLTAEKVDLLAGIDFW-----HTKALPKHGVPSLRTDGPNGVGTKEFENG 58  
 56 LVAQMTLDEKISFV---HMLDPRQNVGYLPGVPLGIPELRADGPNGRIR---LVG 107  
 59 VPACFCGSGTSGTSTNOTLLEAGKMKGEALAKSAHVILPTINMORSPLGSGFESI 118  
 108 QTATAPALPAPALASTFDDTMADSYGKMGDRALNODMVLGPMNNIRVPHGRNYET 167  
 119 GEDPFLAGLGAALIRIGISTGVQATIKHPLCNDQEDRRMVSIVTERALREIYALPQ 178  
 168 SEDPLVSSRTAVAOIKIGAGIMTAKHFAANNQENNRFSVANANDEQTLREIEPAP 227  
 179 IAVDSQPGA--FMTAYNGINGVSCSENPXYLDGMLKREKMGDGLMSDWYGTSTTEAV 236  
 228 AS---SKAGASFCMCAVINGLNGKPSGNDLNNVLTQMGFGQWMSDMLAT- PGTDAL 283  
 237 VAGLDLE-----PGP-REFGETLKFNVSNGK-PFIHVIDQAREVLOFVK 282  
 284 TKGLDQEMGVELPGDYKGEPSPAKFGGALKTAVLNGTVPEAAVTRSAERLYGMEKF 343  
 283 CAASGVTEGNETVNTPETALLRKVNGEIVLLKNENNVPLS--KKKTLIVGPN 340  
 344 GLLATAPAPRPE---BDKAGAAVSRKVAENGAVLLRNEGOALPLADGAKSTAVIGPTA 400  
 341 KQATYHGGSAALRAYAVPFDGLSKOLETPSYTGATTVTPPLIGEOCLPPDGA 400  
 401 VDPKVTGLGSAHVPPDSPAAPLDTIKAR-----AGAGATVYETGETTGTQIPAGN 452  
 401 RWRVNEPPTGPNRQIHIDEFTKTDMLVDYHPRKADTWYADMEGTYADEDCYTELG 460  
 453 LSPAFNG-----HGLE--PKAGALY--DGLTVPADGEYRIA 487  
 461 LVVCGTAKAYVDDOLVVDNATKOVPGDAFFGSATRETEGRINLVKNTYKFIKESGAPT 520  
 488 VRATG---GYATVOL---GSHTEAGOVYGVKS--SPLKLTKG--THKL----- 527  
 521 YTLGDTIVPGHSLRVGGCKVIDDOAEIKESVALAKEHDOVITCAGLNDWETEGADRA 580  
 528 -TISGFAMSATPLSLELGWTPPAADATIAKAVESAKAKATAVFA---YDGTBEGVDR 583  
 581 SMKLPGLDOLLIADVAANPNTVVVMQTGPPEMPWLADTAPVIAQWYAGNETGNSIADY 640  
 584 NLSLPGTQDKLISAVADANPNTIYVLTGSSVLMPLSKTRAVLDWMTYPCAGAEATATL 643  
 641 VFGDYNBSGKLSLSPKRLDNPAPLNFRTAG-----RTLGEDEVYVYRYEYF 690  
 644 LYGDNPBSGKLTQSF-----PAENQHAVALGDPSTYPGVNDQOTYREGIHGVNPFDK 696  
 691 ADKDVNPFPGHSLYTFPAFNSLVSH-KDGKLSVLSVKNTGSSVPAQVLAOLVVKFLQA 749  
 697 ENVRPLPFPGHSLYSTSTQSPATVVRSTGKLVYTVVRNSGKRAQOEYVQALIGASPN 756  
 750 AKINRPVELKGAFAVELQGETKAVTIEQEKYVAAYFDEERDQWCEVGEDEVIVSDS 809  
 757 VTAPQAKKLVGYTKVSLIAGEAKTVVNV-----DRLOLTGS 795  
 810 SAADKVALRGKFTY 824  
 796 SSAD---LRGSATV 806

# RESULT 7 US-09-861-289-24

Sequence 24, Application US/09861289  
 Patent No. US20020110897A1

GENERAL INFORMATION:  
 APPLICANT: Sherman, D. H.

APPLICANT: Liu, H.

APPLICANT: Xue, Y.

TITLE OF INVENTION: DNA encoding methymycin and pikromycin

FILE REFERENCE: 600,438US1

CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/861,289

PRIOR FILING DATE: 1998-06-26

SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 3.0

SEQ ID NO 24

LENGTH: 809

TYPE: PR1

ORGANISM: Streptomyces venezuelae

US-09-861-289-24

Query Match 21.5%; Score 944.5; DB 10; Length 809;  
 Best Local Similarity 32.2%; Pred. No. 2,6e-68;  
 Matches 275; Conservative 112; Mismatches 325; Indels 143; Gaps 26;

9 ILKLLTAEKVDLLAGIDFW-----HTKALPKHGVPSLRTDGPNGVGTKEFENG 58  
 56 LVAQMTLDEKISFV---HMLDPRQNVGYLPGVPLGIPELRADGPNGRIR---LVG 107  
 59 VPACFCGSGTSGTSTNOTLLEAGKMKGEALAKSAHVILPTINMORSPLGSGFESI 118  
 108 QTATAPALPAPALASTFDDTMADSYGKMGDRALNODMVLGPMNNIRVPHGRNYET 167  
 119 GEDPFLAGLGAALIRIGISTGVQATIKHPLCNDQEDRRMVSIVTERALREIYALPQ 178  
 168 SEDPLVSSRTAVAOIKIGAGIMTAKHFAANNQENNRFSVANANDEQTLREIEPAP 227  
 179 IAVDSQPGA--FMTAYNGINGVSCSENPXYLDGMLKREKMGDGLMSDWYGTSTTEAV 236  
 228 AS---SKAGASFCMCAVINGLNGKPSGNDLNNVLTQMGFGQWMSDMLAT- PETDAL 283  
 237 VAGLDLE-----PGP-REFGETLKFNVSNGK-PFIHVIDQAREVLOFVK 282  
 284 TKGLDQEMGVELPGDYKGEPSPAKFGGALKTAVLNGTVPEAAVTRSAERLYGMEKF 343  
 283 CAASGVTEGNETVNTPETALLRKVNGEIVLLKNENNVPLS--KKKTLIVGPN 340  
 344 GLLATAPAPRPE---BDKAGAAVSRKVAENGAVLLRNEGOALPLADGAKSTAVIGPTA 400  
 341 KQATYHGGSAALRAYAVPFDGLSKOLETPSYTGATTVTPPLIGEOCLPPDGA 400  
 401 VDPKVTGLGSAHVPPDSPAAPLDTIKAR-----AGAGATVYETGETTGTQIPAGN 452  
 401 RWRVNEPPTGPNRQIHIDEFTKTDMLVDYHPRKADTWYADMEGTYADEDCYTELG 460  
 453 LSPAFNG-----HGLE--PKAGALY--DGLTVPADGEYRIA 487  
 461 LVVCGTAKAYVDDOLVVDNATKOVPGDAFFGSATRETEGRINLVKNTYKFIKESGAPT 520  
 488 VRATG---GYATVOL---GSHTEAGOVYGVKS--SPLKLTKG--THKL----- 527  
 521 YTLGDTIVPGHSLRVGGCKVIDDOAEIKESVALAKEHDOVITCAGLNDWETEGADRA 580  
 528 -TISGFAMSATPLSLELGWTPPAADATIAKAVESAKAKATAVFA---YDGTBEGVDR 583  
 581 SMKLPGLDOLLIADVAANPNTVVVMQTGPPEMPWLADTAPVIAQWYAGNETGNSIADY 640  
 584 NLSLPGTQDKLISAVADANPNTIYVLTGSSVLMPLSKTRAVLDWMTYPCAGAEATATL 643

```

QY      641  VFGDVNPSGKLSLTFEPKRLQDNPAFLNFRTEAG-----RTLYGEVYVGYRYEEF 690
      :|:| | | | | :| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Db      644  LXGDVNPBGKLTQSF-----PAAENQHAVAGDPITSYPCVDNQITREGIHYGYRRFDK 636

QY      691  ADKDVNPEPFEGHSYTTTFAFSNLSVSH-KDGKLSVLSLVXNKGTSVPGAOYAOIYVFKPLQ 749
      :|:| | | | | :|:| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Db      697  ENVPRLTEPFGHLSYTSFTQSAPTVVPRTSNGKLKVTYVRNSGRAGQEVYQAYLGASPN 756

QY      750  AKIRNPVYELKGFAKVELQPBETAAVYITEQEKYVAAYFPDEERDQKVEYGEYVYSDS 809
      :|:| | | | | :|:| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Db      757  VTAPQAKKKLGYIKRVKSLAAGEAKTVVNV-----DRRLQIQTGS 795

QY      810  SAKDGVALRGKFTV 824
      :|:| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Db      796  SSAD-----LRGSATV 806

RESULT 8
US-09-734-569-34
; Sequence 34, Application US/09734569
; Patent No. US20020064816a1
GENERAL INFORMATION:

```

```

; SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 9
; LENGTH: 1434
; TYPE: PRT
; ORGANISM: Haemophilus influenzae
; FEATURE:
; NAME/KEY: misc_feature
; LOCATION: (568)..(568)
; OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 568 stands for Ser, Gly, Arg, or Cys.
; NAME/KEY: misc_feature
; LOCATION: (1702)..(1702)
; OTHER INFORMATION: "n" at position 1702 can be any base.
US-10-080-505-9

Query Match
Best Local Similarity 2.9%; Score 128; DB 9; Length 1434;
Matches 125; Conservative 75; Mismatches 243; Indels 180; Gaps 27;

OY 261 NKPPIHVIDARREVLOPVKKCAASVTENGPEPT---VNTPEATALLR----- 309
DB 476 SGRGTVOJLNDKQFDPTDFYFGFRGRLDNGHSILFEKRIQNTDEGAMIVNHTTQVANI 535
OY 310 --VNGEIVLKNENNVLPISKKR-----TLIYVPAKQATYHG 348
DB 536 TTGHESTIAPSKNNKINKLDYSKELAYNGWFXETDKKHNGLRLIYKPTTEDRTLLS 595
OY 349 GSAALRAYVAVTPEDGLSKQLETPESTYVATVTPPIJGEOCLTPDAPGKRMVNEP 408
DB 596 GGTNLKGDITQTKLFFSGRPTPHAY-----NHLDRW---SEM 632
OY 409 PCTP-----NRQIDELFTKTDMLVDYHHPKADTWYADMEGTYTADE-- 454
DB 633 EGIPQGEIWDYDWINRTFKAEFOIKGSASVSRN-----VSSIEGMNTVSNNNA 684
OY 455 -----CTYE--LGIVYCGTAKAYVDOLVDNATKQVPGDAFEGSATREETGR 500
DB 685 TEGVVPNQNTICTRSDMTGLTTCQTVN--LTDKVIID--IPTQINGSNLTDNAT 738
OY 501 INL-----YKGN-TYKFKIEFGSAPITYLKGDTIYPGHGSLRVGGCKYID----- 545
DB 739 VNINGIAKINGVNTLLNHSQFTLSNNAITQIGNIKLSNANAVNNAITLGDVNLADTSRF 798
OY 546 -----QAEIKESVALAKEHQVILICAGLNADWETEGADRASMKLPGLVDLIDVAANFN 601
DB 799 TISNQATQIGTISLHQQAATYDNANLNGVHLTDSARFLSNHSQIQD-----KD 853
OY 602 TVVVMQGTPEEMWLDATPAVIAQAMYGNETGNSIADYVEGDYNSGKLSLSPFKRLD 661
DB 854 TVVTLENAT-----WTMPSDTTLQ-----NLTLNSTVTILNSAYSAS---SNNAPRRR- 899
OY 662 NPAPLFRFETAGRTLYGEDVYVRYRFEADKQVNPFF-GHGISTYTFAPSMLSVSHKG 720
DB 900 -----SLEETETPT-----SABHRFTLTVNKKLSGQC-----TFQFTISLFEYSD 941
OY 721 KLSVS-----LSYKNTGSYGAQVAVOALYVPLQAAKINREVKELKGA----- 763
DB 942 KKLISNDAEDYLSVRNCKEP-VLLEQL--TLVESKDNKRLSPKLEFTLENDHVDAG 997
OY 764 ---KVELOPETKAVT-IEQE 781
DB 998 ALRYKLKVNKGFEFLHNPKEQE 1020

RESULT 11
US-09-738-626-6644
; Sequence 6644, Application US/09738626
; Publication No. US20020197605A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: NAKAGAWA, SATOSHI
; APPLICANT: MIZOGUCHI, HIROSHI
; APPLICANT: ANDO, SEIKO
; APPLICANT: HAYASHI, MIKIRO
; APPLICANT: OCHIAI, KEIKO

```

```

; APPLICANT: YOKOI, HARUHIKO
; APPLICANT: TATEISHI, NAOKO
; APPLICANT: SENOH, AKIHIRO
; APPLICANT: IKEDA, MASATO
; APPLICANT: OZAKI, AKIO
; TITLE OF INVENTION: NOVEL POLYNUCLEOTIDES
; FILE REFERENCE: 249-125
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/738,626
; CURRENT FILING DATE: 2000-12-18
; PRIOR APPLICATION NUMBER: JP 99/377484
; PRIOR FILING DATE: 1999-12-16
; PRIOR APPLICATION NUMBER: JP 00/159162
; PRIOR FILING DATE: 2000-04-07
; PRIOR APPLICATION NUMBER: JP 00/280988
; PRIOR FILING DATE: 2000-08-03
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 7059
; SOFTWARE: PatentIn ver. 3.0
; SEQ ID NO 6644
; LENGTH: 395
; TYPE: PRT
; ORGANISM: Corynebacterium glutamicum
US-09-738-626-6644

Query Match
Best Local Similarity 2.9%; Score 126.5; DB 9; Length 395;
Matches 51; Conservative 30; Mismatches 89; Indels 31; Gaps 7;

```

```

OY 64 PRCSTISGTFNQTLLPEACKMKMKEAIAKSAHVILGPTIMORSPLGSGFESIGEDPF 123
DB 148 FPSPRVNAQMTWTPPOVEDLAEILSTGLAHCYVYNFAPYVDVDMGLPVYGDNSFSDPA 207
OY 124 LAGIAAALINGIGSTGVQATIKHFLCNDQEDRRMAYQSYTERALBEIYA--LPIQIA 180
DB 208 VAATYATFAFAKLSKVGITPVFKHFGHGRASGDSHTQDVYTP-ALDELTYDLIPYGOA 266
OY 181 VRDSQPGAFMAYN-----GINGVSCSNP-----KYLDMKLRKMGCGLI----- 222
DB 267 LSETD-GAVMWGHMIVPGLGIDVSPSSIDPATYQLLSGDIYPGV-----PFDGVITYDD 320
OY 223 ---MSDWGYSTTEAVVAGL 240
DB 321 LSGMSAITSHPAEVAVLASL 341

```

```

RESULT 12
US-10-043-487-383
; Sequence 383, Application US/10043487
; Publication No. US20030055220A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: HYBRIGENICS
; APPLICANT: PIETRE, LEGRAIN
; TITLE OF INVENTION: Protein-protein interactions between Shigella flexneri polypep
; FILE REFERENCE: B4778A
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/043,487
; CURRENT FILING DATE: 2002-04-30
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/261,130
; PRIOR FILING DATE: 2001-01-12
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 561
; SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 383
; LENGTH: 2609
; TYPE: PRT
; ORGANISM: Shigella flexneri
US-10-043-487-383

```

```

Query Match
Best Local Similarity 2.8%; Score 121.5; DB 9; Length 2609;
Matches 191; Conservative 120; Mismatches 345; Indels 379; Gaps 47;

OY 35 KHGVPSLRF-TDGPNGV-----RGTKEFNGVPACPCGTSLSSTENQTLLEAG 83
DB 1439 KAGVAPLQYKVGCPGLVEPVDVNDADQTVNVVPSRHEGYSTISV----- 1485

```



; Patent No. US20020102276A1  
 ; GENERAL INFORMATION:  
 ; APPLICANT: PEAK, IAN RICHARD ANSELM  
 ; APPLICANT: JENNINGS, MICHAEL PAUL  
 ; APPLICANT: MOXON, E. RICHARD  
 ; TITLE OF INVENTION: NOVEL SURFACE ANTIGEN  
 ; FILE REFERENCE: 065064/0134  
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/797,862  
 ; CURRENT FILING DATE: 2001-05-03  
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/AU98/01031  
 ; PRIOR FILING DATE: 1998-12-14  
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: GB 9726398.2  
 ; PRIOR FILING DATE: 1997-12-12  
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 33  
 ; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1  
 ; SEQ ID NO 33  
 ; LENGTH: 2353  
 ; TYPE: PRT  
 ; ORGANISM: Haemophilus influenzae  
 ; US-09-797-862-33  
  
 Query Match 2.8%; Score 121; DB 10; Length 2353;  
 Best Local Similarity 20.8%; Pred. No. 1.8;  
 Matches 138; Conservative 92; Mismatches 244; Indels 188; Gaps 35



RESULT 14  
 US-09-869-877-6  
 ; Sequence 6, Application US/09869877  
 ; Publication No. US20020192792A1  
 ; GENERAL INFORMATION:  
 ; APPLICANT: Schneider, Palle  
 ; APPLICANT: Danielson, Steffen  
 ; APPLICANT: Svendsen, Allan  
 ; TITLE OF INVENTION: Laccase Mutants  
 ; FILE REFERENCE: 10179.204-US  
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/869,877  
 ; CURRENT FILING DATE: 2001-07-06  
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 10  
 ; SOFTWARE: PatentIn version 3.1  
 ; SEQ ID NO 6  
 ; LENGTH: 599  
 ; TYPE: PRT  
 ; ORGANISM: Rhizoctonia solani  
 ; US-09-869-877-6

Query Match 2.7%; Score 118.5; DB 9; Length 599;  
 Best Local Similarity 20.9%; Pred. No. 0.36;  
 Matches 122; Conservative 75; Mismatches 223; Indels 163; Gaps 29;

QY 257 FVNSNGKPEFHVHIDQARREVLOFVKKCAAGVTENGPEPTVNTPTAALLRKVNEGIV 316  
 DB 26 FVANG-----AVAPDGVTRN-----AVLVNGRPPPL 53  
 QY 317 LKNNENVLPKSKKKTLLVGNPAKQAT--YHGGSAALRAYAVTPDDGSKOLETPP 373  
 DB 54 ITANKGDTLKITVRNK--LSDEPTMRSTTIHMG--LLOHRTAEDEGPAFYTCPIPP 107  
 QY 374 --SYTVGATTVPRILGEOC-----LTPDAGRMWRVFNBPFGTIPNRQHIDLEFT 423  
 DB 108 QESTTY---TMP--LGEQGTWYHSHLSQYVDGLRGPVIYDPHDPYRNYD--VDE 160  
 QY 424 KTDMLVDYHPRKADTWYADMEGTATDECTYELGLVYCGTAKAYVDDQLVYDQATKQ 483  
 DB 161 RTVFTLADWH-----TPSEAIATHVLTIPDSGTINCKKY 199  
 QY 484 VPGDAFFGSAFRETGRINLVKGNTRYKTEFGSAPTYLTKGDTIVPGHSLRVGCKYI 543  
 DB 200 DPASANTNTTLENTLYTLVKRGRKRYRLIINASAIASFRFG--VQGH-----KCTII 250  
 QY 544 DDQAEIKSVALAKENHOVIICAG-----LNADWETEGADRASKMLPGVLDQLIADYAA 597  
 DB 251 EADGVLTKEPI---EVDADFILAGORYSCILKAD--QDPDSYWINAP-----ITNVLN 297  
 QY 598 ANPTVVVMQTG--TPREMPW-----LDATPAVYQAM-----YGNMGTG----- 634  
 DB 298 TNYQALLVYEDDKRPTHYKPKPLTKKISNEIIQYQMHKSHGKHGHHKVRAGV 357  
 QY 635 NSIADVFGDYNDPSGKLSLSPKRLQDNPAFLNFR--TEAGRTLYGEDVYV----- 683  
 DB 358 SGLSSRVKSRASDLSKKAVALAALVAGEAELEDRKQNDNSTIYVDETKLIPVPGAPG 417  
 QY 684 GYRYEEADVDVNFPEFHGSLYTT--FAFSNLSVSHKD-----CKLSVS--LSV 728  
 DB 418 GSR-----PADVVVPLDFGNTFNANGMLTINNVSISPPDFTLLKILITDKDKVASDPTAD 472  
 QY 729 KNTGSVPQAOVQOLYVLPQAKINRPVKELKGFAYKVELOPGE 771  
 DB 473 EHTYILPKNQVVELHNG--QALGIVHPL--HLHGHAFFDVVQFGD 513

RESULT 15  
 US-09-732-350-6  
 ; Sequence 6, Application US/09732350  
 ; Patent No. US20010031490A1  
 ; GENERAL INFORMATION:  
 ; APPLICANT: Svendsen, Allan  
 ; APPLICANT: Xu, Feng

TITLE OF INVENTION: LACCASE MUTANTS  
 ; NUMBER OF SEQUENCES: 10  
 ; CORRESPONDENCE ADDRESS:  
 ; ADDRESSEE: No. US20010031490A10 No. US20010031490A1disk of No. US20010031490A  
 ; STREET: 405 Lexington Avenue  
 ; CITY: New York  
 ; STATE: NY  
 ; COUNTRY: USA  
 ; ZIP: 10174  
 ; COMPUTER READABLE FORM:  
 ; MEDIUM TYPE: Diskette  
 ; COMPUTER: IBM Compatible  
 ; OPERATING SYSTEM: DOS  
 ; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 2.0  
 ; CURRENT APPLICATION DATA:  
 ; APPLICATION NUMBER: US/09/732,350  
 ; FILING DATE:  
 ; CLASSIFICATION:  
 ; PRIOR APPLICATION DATA:  
 ; APPLICATION NUMBER: 09/032,315  
 ; FILING DATE:  
 ; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
 ; NAME: Rozek, Carol  
 ; REGISTRATION NUMBER: 36,993  
 ; REFERENCE/DOCKET NUMBER: 5200.200-US  
 ; TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
 ; TELEPHONE: 212-867-0123  
 ; TELEFAX: 212-878-9655  
 ; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 6:  
 ; SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 ; LENGTH: 599 amino acids  
 ; TYPE: amino acid  
 ; STRANDEDNESS: single  
 ; TOPOLOGY: linear  
 ; MOLECULE TYPE: protein  
 ; US-09-732-350-6

Query Match 2.7%; Score 118.5; DB 10; Length 599;  
 Best Local Similarity 20.9%; Pred. No. 0.36;  
 Matches 122; Conservative 75; Mismatches 223; Indels 163; Gaps 29;

QY 257 FVNSNGKPEFHVHIDQARREVLOFVKKCAAGVTENGPEPTVNTPTAALLRKVNEGIV 316  
 DB 26 FVANG-----AVAPDGVTRN-----AVLVNGRPPPL 53  
 QY 317 LKNNENVLPKSKKKTLLVGNPAKQAT--YHGGSAALRAYAVTPDDGSKOLETPP 373  
 DB 54 ITANKGDTLKITVRNK--LSDEPTMRSTTIHMG--LLOHRTAEDEGPAFYTCPIPP 107  
 QY 374 --SYTVGATTVPRILGEOC-----LTPDAGRMWRVFNBPFGTIPNRQHIDLEFT 423  
 DB 108 QESTTY---TMP--LGEQGTWYHSHLSQYVDGLRGPVIYDPHDPYRNYD--VDE 160  
 QY 424 KTDMLVDYHPRKADTWYADMEGTATDECTYELGLVYCGTAKAYVDDQLVYDQATKQ 483  
 DB 161 RTVFTLADWH-----TPSEAIATHVLTIPDSGTINCKKY 199  
 QY 484 VPGDAFFGSAFRETGRINLVKGNTRYKTEFGSAPTYLTKGDTIVPGHSLRVGCKYI 543  
 DB 200 DPASANTNTTLENTLYTLVKRGRKRYRLIINASAIASFRFG--VQGH-----KCTII 250  
 QY 544 DDQAEIKSVALAKENHOVIICAG-----LNADWETEGADRASKMLPGVLDQLIADYAA 597  
 DB 251 EADGVLTKEPI---EVDADFILAGORYSCILKAD--QDPDSYWINAP-----ITNVLN 297  
 QY 598 ANPTVVVMQTG--TPREMPW-----LDATPAVYQAM-----YGNMGTG----- 634  
 DB 298 TNYQALLVYEDDKRPTHYKPKPLTKKISNEIIQYQMHKSHGKHGHHKVRAGV 357  
 QY 635 NSIADVFGDYNDPSGKLSLSPKRLQDNPAFLNFR--TEAGRTLYGEDVYV----- 683  
 DB 358 SGLSSRVKSRASDLSKKAVALAALVAGEAELEDRKQNDNSTIYVDETKLIPVPGAPG 417

Wed May 7 14:14:35 2003

us-10-027-000-2.rapb

Page 10

[illegible]

Search completed: April 26, 2003, 13:07:00  
Job time : 37 secs